

LISTE DE SEQUENCES

(1) INFORMATIONS GENERALES:

(i) DEPOSANT:

- (A) NOM: RHOBIO
- (B) RUE: 14-20 Rue Pierre BAIZET
- (C) VILLE: LYON
- (E) PAYS: France
- (F) CODE POSTAL: 69009

(ii) TITRE DE L'INVENTION: Promoteur inductible COMTII, gène chimère le comprenant et plantes transformées

(iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 26

(iv) FORME DECHIFFRABLE PAR ORDINATEUR:

- (A) TYPE DE SUPPORT: Floppy disk
- (B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
- (C) SYSTEME D'EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
- (D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (OEB)

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 1:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1863 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: double
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc\_signal
- (B) EMPLACEMENT: 667..672
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite W inverse"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc\_signal
- (B) EMPLACEMENT: 820..830
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite L inverse"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: enhancer
- (B) EMPLACEMENT: 845..852

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc\_signal
- (B) EMPLACEMENT: 1034..1047
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite P"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc\_signal
- (B) EMPLACEMENT: 1221..1226
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite G"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc\_signal
- (B) EMPLACEMENT: 1343..1356
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite L inverse"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc\_signal

(B) EMPLACEMENT:1369..1374  
 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite A"

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: misc\_signal  
 (B) EMPLACEMENT:1377..1382  
 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite GT"

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: misc\_signal  
 (B) EMPLACEMENT:1483..1488  
 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite GT"

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: misc\_signal  
 (B) EMPLACEMENT:1562..1567  
 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite W inverse"

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: misc\_signal  
 (B) EMPLACEMENT:1600..1614  
 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite L"

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: CAAT\_signal  
 (B) EMPLACEMENT:1675..1679

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: misc\_signal  
 (B) EMPLACEMENT:1681..1690  
 (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite E"

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: CAAT\_signal  
 (B) EMPLACEMENT:1695..1699

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: TATA\_signal  
 (B) EMPLACEMENT:1735..1739

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: transcription origin  
 (B) EMPLACEMENT:1772

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

AAAGTTAGGG ACAATCTATA GTGTCACAAA GTTGCTTATG GCTTTGGTT CAGATAAAGA	60
AAAAGAACAG CATTAAATT TGTGAAGATT AGTCTGAGCA GAATTCATT GTATCTAGAA	120
AGAAATTGAA AAAAGAAATA TTCTATTCA CTATTATGTT AGGTGCAACT ATATCATCAC	180
CATGGAAAAG CCGGAGTAAA AAGAGAACGT AGAGGAGATT TCATGATTG ATTGAGAATA	240
TAATATATTA TTTTTTGTA ATTCCACACA AAGATTAAGA AAATGATCTG ATCAATGATG	300
GCTCCGAGGA TTTGGCTGTC GCAGGGAACTA TGACATTAAT ATAAATTGTT CGCTGCCTAT	360
AAAGACCTA TCTATCTATC TATCTATCTA TATATATATA TATATATATA TATATATATA	420
TATATATATA TATATATATA TATATATAAG CGCTAATATT TGATTATTT	480
TTAAAAATAT TTATAAGTAT ATATGAAATT TTTGACGAAA TTTTGTGTG ACCGTGACCC	540
CTCAACCTAT AGTGTGCGTC CACCTGTGCC AACAAATATAG AGACAATTG CTCGTATAGT	600

CAGAAAGAGT	660
TTTTTACTTT	
TTAGTTGCTT	
TTTAGTGAAT	
CTACTCGGT	
TAAAGTTAAA	
TTAGTGGGTC	720
AATAAGTCGG	
GTGAATAGTT	
AAAGAAAACA	
GTGGTGAGTT	
TAGCTGTCAA	
ATAATTTCTT	780
CTTTTCTTG	
TTTCACATT	
AGAAATCAAA	
ATAAAACACA	
AGCTTTTGT	
ATTTATTTA	840
ACACAAGCTA	
ATTATATGTT	
TATATGCTGG	
TTAGGTGAAG	
TAAAGCATGT	
TATATGAGGA	900
AAGTACGAAG	
AAAATGTGCC	
AATTGTCGTG	
TACAGCAAAG	
CAGCCAGCAC	
AAGCAAATT	960
GCACTTGATA	
AGTGGCTAAG	
TCCACTTCT	
AGTGGACCTA	
GTGGTTCACT	
AACTTTACC	1020
AAAAAGGCAA	
TAATTTGCAA	
TTCAAAAAGA	
AAAAAGGAAA	
AAAGAAAACT	
AGACAGACTT	1080
TAACACACCA	
ACTCCCACAG	
GAAGCAACAA	
TGCAACTCAC	
AAAAGGAAAC	
CGAGTTTTC	1140
CGCGACGGAT	
CTAGAATTG	
GGTCATTCT	
TTACGCTTT	
TCGTATTAAA	
CTCATTATAT	1200
TTGTATAATT	
ATGGGTTTAT	
ATTTTTATT	
TATTGTAATT	
TTTGTAAAAT	
TTTATATATA	1260
AGTGTATACT	
CCACGTCTCC	
GGACTACACA	
TTAGCCTCTA	
GGGTTCTTAA	
TAACGTTGTT	1320
AAATTGTCCA	
GGCTCCAAAC	
GCATGTTCGT	
TTCAATT	
ACGGATGTTT	
CCGAACAACT	1380
CCAAATGTT	
AATGTTAGGT	
GTGTTGGTG	
TTAAGCTTCC	
GTCCTAGGTT	
AATAGAATAG	1440
ATAATTGTTG	
TTCTTATAT	
AGTTTGAAAC	
AATCGTCGCC	
ATAAAACTAAT	
TTTTAGGATG	1500
GAAGCTAATT	
TTTAGGATGG	
AGTACAGCCT	
AAGGTTAAAA	
TATAACTATA	
AAAAATATCC	1560
ATAAAAGGTG	
AAATTTAATT	
AGTAACATGA	
AAAGATAAAA	
CTAGTGTAT	
CGGTCAAAC	1620
TTCAAAAGAG	
AAAGAAATAA	
CTAGACAAAC	
TTCAACAAACC	
AACCTGCCA	
ACATGCTACT	1680
GTGCAATTGA	
AAAATAAACAA	
AAAGAGAACCC	
AGACAATATT	
TCAACCAATA	
TTCCATCAAG	1740
AAAACCAATT	
ATGACAATT	
TTAACCAAAG	
TCACAAC	
CACTTATAAA	
AAGCACTAAC	1800
TCAACTGTAC	
ATGATTGTGA	
AGCCTAACAA	
AAACACTCTA	
AAAGGAAAAG	
ACTACGAGAA	1860
TAATTACACT	
ACAACCTTTA	
TAGCTAATT	
TTGTCTCAAG	
ATTTTCAGCT	
ATG	1863

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 2:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 5371 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: double
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: promoteur
- (B) EMPLACEMENT:1..1860

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: transcription origine
- (B) EMPLACEMENT:1772

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: exon

(B) EMPLACEMENT: 1861..2281

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: intron

(B) EMPLACEMENT: 2282..3633

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: exon

(B) EMPLACEMENT: 3634..3944

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: intron

(B) EMPLACEMENT: 3945..4726

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: exon

(B) EMPLACEMENT: 4727..5089

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: terminateur

(B) EMPLACEMENT: 5090..5371

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 2:

AAAGTTAGGG ACAATCTATA GTGTCACAAA GTTGCTTATG GCTTTGGTT CAGATAAAGA	60
AAAAGAACAG CATTAAATT TGTGAAGATT AGTCTGAGCA GAATTCATT GTATCTAGAA	120
AGAAATTGAA AAAAGAAATA TTCTATTTCA CTATTATGTT AGGTGCAACT ATATCATCAC	180
CATGGAAAAG CCGGAGTAAA AAGAGAACGT AGAGGAGATT TCATGATTTG ATTGAGAATA	240
TAATATATTA TTTTTTGTA ATTCCACACA AAGATTAAGA AAATGATCTG ATCAATGATG	300
GCTCCGAGGA TTTGGCTGTC GCGGGAACTA TGACATTAAT ATAAATTGTT CGCTGCCTAT	360
AAAGACCTA TCTATCTATC TATCTATCTA TATATATATA TATATATATA TATATATATA	420
TATATATATA TATATATATA TATATATATA TATATATAAG CGCTAATATT TGATTATTT	480
TTAAAAATAT TTATAAGTAT ATATGAAATT TTTGACGAAA TTTTGTGTT ACCGTGACCC	540
CTCAACCTAT AGTGTGCGTC CACCTGTGCC AACAAATATAG AGACAATTG CTCGTATAGT	600
CAGAAAGAGT GTTTTACTTT TTAGTTGCTT TTTAGTGAAT CTACTCGGTA TAAAGTTAAA	660
TTAGTGGGTC AATAAGTCGG GTGAATAGTT AAAGAAAACA GTGGTGAGTT TAGCTGTCAA	720
ATAATTCTT CTTTTCTTG TTTTCACATT AGAAATCAAAT AAAACACAA AGCTTTGTT	780
ATTTATTTA ACACAAGCTA ATTATATGTT TATATGCTGG TTAGGTGAAG TAAAGCATGT	840
TATATGAGGA AAGTACGAAG AAAATGTGCC AATTGTCGTG TACAGCAAAG CAGCCAGCAC	900
AAGCAAATTC GCACTTGATA AGTGGCTAAG TCCACTTCT AGTGGACCTA GTGGTTCACT	960
AACTTTTACCA AAAAAGGCAA TAATTTGCAA TTCAAAAAGA AAAAAGGAAA AAAGAAAAC	1020
AGACAGACTT TAACACACCA ACTCCCACAG GAAGCAACAA TGCAACTCAC AAAAGGAAAC	1080
CGAGTTTTTC CGCGACGGAT CTAGAATTG GGTCATTCT TTACGTTTT TCGTATTAAA	1140
CTCATTATAT TTGTATAATT ATGGGTTTAT ATTTTTTATT TATTGTAATT TTTGTAAAAT	1200
TTTATATATA AGTGTATACT CCACGTCTCC GGATACTACA TTAGCCTCTA GGGTTCTAA	1260

TAECTCTGTT	AAATTGTCCA	GGCTCCAAAC	GCATGTTCGT	TTCAATTAA	ACGGATGTT	1320		
CCGAACAACT	CCAAATGTT	C	AATGTTAGGT	GTGTTGGTG	TTAAGCTTCC	GTCCTAGGTT	1380	
AATAGAATAG	ATAATTGTTG	TTTCTTATAT	AGTTTGAAAC	AATCGTCGCC	ATAAACTAAT	1440		
TTTTAGGATG	GAAGCTAATT	TTTAGGATGG	AGTACAGCCT	AAGGTTAAAA	TATAACTATA	1500		
AAAAATATCC	ATAAAAGGTG	AAATTTAATT	AGTAACATGA	AAAGATAAAA	CTAGTGTAT	1560		
CGGTCAAAC	TTCAAAAGAG	AAAGAAATAA	CTAGACAAAC	TTCAACAACC	AAACCTGCCA	1620		
ACATGCTACT	GTGCAATTGA	AAAATAAAC	AAAGAGAAC	AGACAATATT	TCAACCAATA	1680		
TTCCATCAAG	AAAACCAATT	ATGACAATT	TTAACCAAAG	TCACAAC	CACTTATAAA	1740		
AAGCACTAAC	TCAACTGTAC	ATGATTGTGA	AGCCTAACAA	AAACACTCTA	AAAGGAAAAG	1800		
ACTACGAGAA	TAATTACACT	ACAAC	TTAACCAAAG	TCACAAC	CACTTATAAA	1860		
ATGGAATCCT	CAACCAAAAG	CCAAATACCA	ACACAATCAG	AAGAAGAGCG	TAAC	1920		
TATGCCATGC	AACTATTGTC	ATCTTCAGTC	CTCCCCTTG	TGTTGCATT	AA	1980		
TTGGAAGTTT	TTGAGATATT	AGCCAAATCT	AATGACACTA	AACTTTCTGC	TTCTCAAATT	2040		
GT	TTCTCAAA	TTCTTA	ACTG	CACAAAACCT	GAAGCACCTA	CTATGTTAA	2100	
TATGCTTGG	CTAGTTACTC	CTTGT	TTACT	TGTTCCATTG	TTGAAGATGA	AAAAAATAAT	2160	
GGGGGCCAAA	AAAGAGTGTA	TGGTTGTCA	CAAGTGGAA	AATTCTTTGT	TAAAATGAA	2220		
AATGGTGCAT	CAATGGGCC	ACTTTGGCT	TTGCTTCAA	ATAAAGTATT	CATAAACAGC	2280		
TGGTAAGTTT	TGTCCTACTG	TGTATTCTT	TTGCAGTGGC	TGTATTGATT	GGTTGCCTTT	2340		
TTCACAAGAC	AAGATTCTTA	AGTTTATT	CTTGTGATT	TATGTTAGTC	GTATGTGCTA	2400		
GTGTTATTAT	TCTCCATCTG	ATCCTTTAT	TGGTCACTT	ACCTAAAAT	ATTGTTACAA	2460		
AACATTTGTC	CTTCTAGAAA	ATCAGGTATT	ATTAATT	CAATTCCATC	TTTATTACTC	2520		
CAATAGTGAA	TATGGTTATT	AATTAGTGT	TTAAGGAAGA	TGTAAGGATA	ATTTAATCAA	2580		
ATAGGATT	TTATTAAATGT	TGTCAAAGAT	TCTGGTGGAT	GGATCGGAGA	AAATTCTTC	2640		
ATCTTAATCA	GAGTTGATG	TTCGAGCCAC	AGGAATGAAT	TTGTTTTAA	TAGGGAGTAT	2700		
TTTCTTTG	AATAGACCTT	ACACAATAAA	AGGACAACCC	GGTACACTAA	GCTTCCGTTA	2760		
TGCGCGGGGT	TCGGGGAAAG	GACCGCATCA	CCAGGTCTAT	TGTACGCAGC	GTTACCCAAC	2820		
GTGAATCTAA	ATTAATGAGA	CTAAAAAATG	GAACCCAACA	CCAGTGAAAA	CCAAAAAAAG	2880		
AAGCAAAC	TAGTGGATGG	CTTGGAAAGA	TCTTTCTCT	TGAATAACTT	GGAGCGCTAT	2940		
ATATTAAGGC	GTCGCAGCCG	TTAGATACTT	TCAAGAAGAA	AGCTAAAAAA	TGTTTAAAG	3000		
TTACGGCGCT	AGAATAATGA	AATTCTCTA	TATATATAAT	TCAAAAGTTA	ATAATT	3060		
CTCTTAAC	TT	AAATCTATAT	TATAAAACTA	TATTAAGTAA	CTTCTGCCTA	ATT	3120	
TACAAC	AA	TTGAGAA	AACAAAATAA	CAACAA	CATC	AAACCCAATG	AAATCCCAC	3180
AGTAGAGTTT	GGGGAGGATA	GTGTGTACGG	AGACCTTAC	CCTAC	TTAT	AAAGTTAAAG	3240	

AGGCTGTTT CGAAAGACTC TCGGCTCAAG AACATTAAAA ATTGAGAAA ACAAAATATA	3300
AATTCAAAAC CTATATTAAG TTTATAATCC ATGGTATATT ATATTGGCTT AGTAATCTGA	3360
AATGAAAGAT TTATGTTGA CTCCTCTAAA CTTGTTTTA ATGCAAAGA GGCACAAACAT	3420
ATATATTATA AGTATCTTT TTTGGTTCC CACTGTGGCC GCTAAATTG GATTGCTGG	3480
AAGTGTACAC TTGTTGGAGA TGGGGCAAC GCTCACAAACA AAGACGATTC TATAATTAGT	3540
GTTCGAACCT GAAATTTAG TTAAAGATAA AGAAGTACTT ACCATAATGG TAGATATGAT	3600
CATATCTGAC TCTCTTCTA ATTCAAATT ACAGGTTGA ACTAAAAGAT GCAGTTCTG	3660
AAGGAGGAGT TCCATTTGAC AGGGTACACG GTGTGCATGC ATTTGAATAT CCAAAATCGG	3720
ACCCAAAATT CAATGATGTT TTCAACAAGG CAATGATCAA TCACACAACT GTAGTCATGA	3780
AAAAAAACT TGAAAATTAC AAAGGTTTG AGAACCTAA AACTTTGGTT GATGTTGGAG	3840
GTGGTCTTGG AGTTAACCTC AAGATGATTA CATCTAAATA CCCCACAATT AAGGGCACTA	3900
ATTTGATTT GCCACATGTT GTTCAACATG CCCCTCCTA TCCTGGTACC TTCTCTCGTT	3960
CTTATTTGT TGTATTATTAT ATTTACTTCG ATCATCAGGT CTAGGTCTGT CAAGTTAAAT	4020
TCGTTCTCAA AAAAGTTAT AAAGGTTTG AACTCCATCA CCTATTGCTT TAGGATTTG	4080
AGTTGTATGC TCTGAGTCTT GCGCATGGTA TCATAGTCAA TTTATTAAAG CTCGTTATTG	4140
CACTGTGAA TTCTATTATA TAAGGAGTAA GCCTACAAA AAGGAGCGAA AATATTTCC	4200
AAAACTCTT TTAAACCTTC CTCACCCCAT TCCCCTCTCC CCTCTCCCCC AACACCACCC	4260
ACCACCCAA CTCCCCGTC TTAGTTTTT TATTTATCCT GGACTTTCTT ATATTTATG	4320
CTTCCCTTA ATTGAACCT TGTAACCTAA CCATTTGCC CCCACCCCTAT AGTGTGTTGCC	4380
TAAATTTAT ATTTTCAAA ATAATATTTT CTATTTACTA ATTAAACATT AGAAAATATT	4440
TTTCCGGATTT TTTTCCACTC ACCAACCAAG CATGGAAAA TAGTGATAAA ACTACTCATT	4500
TTTCAAAATA ATATTTCAA GGAAAACATT TTCCCTTATA CCAAATACCC TTACTCTTGT	4560
ATACAAATCT TCATGTCGAT GATCTGCAA TATATATACA TGTATATGTA TGATTGATA	4620
AACCACATGA ACAAAATGGT TGAGCTCTGC GAATTGTGAT ATATGATTTG CTTATGTGTT	4680
GTGCACTATC AATTACTAA ATTAAACTTC ATCTAATAAT ATTGCAGGG TGGAACATGT	4740
TGGGGGAGAT ATGTTGAAA GTGTTCCAGA AGGAGATGCT ATTTTATGA AGTGGATTCT	4800
TCATGACTGG AGTGATAGTC ACAACCTCAA GTTGCTAAAG AACTGCTACA AGGCTCTACC	4860
AGACAATGGA AAGGTGATTG TTGTTGAGGC CATTTCACCA GTGAAACCAAG ACATTGACAC	4920
CGCAGTGGTT GGCCTTCGC AATGTGATTT GATCATGATG GCTAAAATC CTGGAGGCAA	4980
AGAGCGATCG GAAGAGGAGT TTGAGCTCTT GGCTACTGAA GCTGGATTCA AAGGCCTTAA	5040
CTTAATATGT TGTGTCTGTA ATTTTGGGT CATGGAATTC TGCAAGTAGA TTTCTACTGT	5100
ACATTGAGTT TCTACTACTC TTGAGTATCC ATTTATGGCA ATCTGGGACT GGAATTGCAG	5160
CTTAGTCCAG ATTGAACATT GATATTCTA ATAATATTTC TATTATTTCC CTTGTTTATT	5220

TCTCTTGTAT GAAAGGATGT CATTGGAGT ATTGATAATC ATGTTCTCTA GGACAGAAAT 5280  
 TGTAACCTTG TCCAACCTTA TTGATATTCC TAGTAAGATT TATATGACAT GTGTCTCTGG 5340  
 TTTGAGAAGA GTTTCAATAT CTACAGACGG G 5371

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 3:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
 (A) LONGUEUR: 1095 paires de bases  
 (B) TYPE: nucléotide  
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN

(ix) CARACTERISTIQUE:  
 (A) NOM/CLE: CDS  
 (B) EMPLACEMENT: 1..1095

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 3:

ATG GAA TCC TCA ACC AAA AGC CAA ATA CCA ACA CAA TCA GAA GAA GAG Met Glu Ser Ser Thr Lys Ser Gln Ile Pro Thr Gln Ser Glu Glu Glu 1 5 10 15	48
CGT AAC TGC ACA TAT GCC ATG CAA CTA TTG TCA TCT TCA GTC CTC CCC Arg Asn Cys Thr Tyr Ala Met Gln Leu Leu Ser Ser Ser Val Leu Pro 20 25 30	96
TTT GTG TTG CAT TCA ACA ATT CAA TTG GAA GTT TTT GAG ATA TTA GCC Phe Val Leu His Ser Thr Ile Gln Leu Glu Val Phe Glu Ile Leu Ala 35 40 45	144
AAA TCT AAT GAC ACT AAA CTT TCT GCT TCT CAA ATT GTT TCT CAA ATT Lys Ser Asn Asp Thr Lys Leu Ser Ala Ser Gln Ile Val Ser Gln Ile 50 55 60	192
CCT AAC TGC ACA AAA CCT GAA GCA CCT ACT ATG TTA AAT AGG ATG CTT Pro Asn Cys Thr Lys Pro Glu Ala Pro Thr Met Leu Asn Arg Met Leu 65 70 75 80	240
TAT GTC TTG GCT AGT TAC TCC TTG TTT ACT TGT TCC ATT GTT GAA GAT Tyr Val Leu Ala Ser Tyr Ser Leu Phe Thr Cys Ser Ile Val Glu Asp 85 90 95	288
GAA AAA AAT AAT GGG GGC CAA AAA AGA GTG TAT GGT TTG TCA CAA GTG Glu Lys Asn Asn Gly Gly Gln Lys Arg Val Tyr Gly Leu Ser Gln Val 100 105 110	336
GGA AAA TTC TTT GTT AAA AAT GAA AAT GGT GCA TCA ATG GGG CCA CTT Gly Lys Phe Val Lys Asn Glu Asn Gly Ala Ser Met Gly Pro Leu 115 120 125	384
TTG GCT TTG CTT CAA AAT AAA GTA TTC ATA AAC AGC TGG TTT GAA CTA Leu Ala Leu Leu Gln Asn Lys Val Phe Ile Asn Ser Trp Phe Glu Leu 130 135 140	432
AAA GAT GCA GTT CTT GAA GGA GGA GTT CCA TTT GAC AGG GTA CAC GGT Lys Asp Ala Val Leu Glu Gly Gly Val Pro Phe Asp Arg Val His Gly 145 150 155 160	480
GTG CAT GCA TTT GAA TAT CCA AAA TCG GAC CCA AAA TTC AAT GAT GTT Val His Ala Phe Glu Tyr Pro Lys Ser Asp Pro Lys Phe Asn Asp Val 165 170 175	528

TTC AAC AAG GCA ATG ATC AAT CAC ACA ACT GTA GTC ATG AAA AAA ATA Phe Asn Lys Ala Met Ile Asn His Thr Thr Val Val Met Lys Lys Ile 180 185 190	576
CTT GAA AAT TAC AAA GGT TTT GAG AAC CTT AAA ACT TTG GTT GAT GTT Leu Glu Asn Tyr Lys Gly Phe Glu Asn Leu Lys Thr Leu Val Asp Val 195 200 205	624
GGA GGT GGT CTT GGA GTT AAC CTC AAG ATG ATT ACA TCT AAA TAC CCC Gly Gly Gly Leu Gly Val Asn Leu Lys Met Ile Thr Ser Lys Tyr Pro 210 215 220	672
ACA ATT AAG GGC ACT AAT TTT GAT TTG CCA CAT GTT GTT CAA CAT GCC Thr Ile Lys Gly Thr Asn Phe Asp Leu Pro His Val Val Gln His Ala 225 230 235 240	720
CCT TCC TAT CCT GGG GTG GAA CAT GTT GGG GGA GAT ATG TTT GAA AGT Pro Ser Tyr Pro Gly Val Glu His Val Gly Gly Asp Met Phe Glu Ser 245 250 255	768
GTT CCA GAA GGA GAT GCT ATT TTT ATG AAG TGG ATT CTT CAT GAC TGG Val Pro Glu Gly Asp Ala Ile Phe Met Lys Trp Ile Leu His Asp Trp 260 265 270	816
AGT GAT AGT CAC AAC CTC AAG TTG CTA AAG AAC TGC TAC AAG GCT CTA Ser Asp Ser His Asn Leu Lys Leu Leu Lys Asn Cys Tyr Lys Ala Leu 275 280 285	864
CCA GAC AAT GGA AAG GTG ATT GTT GTT GAG GCC ATT TTA CCA GTG AAA Pro Asp Asn Gly Lys Val Ile Val Val Glu Ala Ile Leu Pro Val Lys 290 295 300	912
CCA GAC ATT GAC ACC GCA GTG GTT GGC GTT TCG CAA TGT GAT TTG ATC Pro Asp Ile Asp Thr Ala Val Val Gly Val Ser Gln Cys Asp Leu Ile 305 310 315 320	960
ATG ATG GCT CAA AAT CCT GGA GGC AAA GAG CGA TCG GAA GAG GAG TTT Met Met Ala Gln Asn Pro Gly Gly Lys Glu Arg Ser Glu Glu Glu Phe 325 330 335	1008
CGA GCC TTG GCT ACT GAA GCT GGA TTC AAA GGC GTT AAC TTA ATA TGT Arg Ala Leu Ala Thr Glu Ala Gly Phe Lys Gly Val Asn Leu Ile Cys 340 345 350	1056
TGT GTC TGT AAT TTT TGG GTC ATG GAA TTC TGC AAG TAG Cys Val Cys Asn Phe Trp Val Met Glu Phe Cys Lys 355 360	1095

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 4:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 22 paires de bases
  - (B) TYPE: nucléotide
  - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
  - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique n° 1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 4:

CGTTTCGCAA TGTGATTGATC

22

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 5:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique n° 2

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 5:

CTCAAAATGA CATCCTTCA TAC

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 6:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 25 paires de bases
  - (B) TYPE: nucléotide
  - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
  - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique n° 3

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 6:

CTGAAGATGT CAATAGTTGC ATGGC

25

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 7:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 33 paires de bases
  - (B) TYPE: nucléotide
  - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
  - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PAS1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 7:

GGTCTAGAGG GCCTTTAGA GTGTTTTGT TAG

33

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 8:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 29 paires de bases
  - (B) TYPE: nucléotide
  - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
  - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 8:

AAAGTCGACC GTCCACCTGT GCCAACAAAT

29

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 9:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
  - (B) TYPE: nucléotide
  - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
  - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS2

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 9:

TGTTTGGTGT TATGCTTCCG TCCT

24

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 10:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 292 paires de bases
  - (B) TYPE: nucléotide
  - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
  - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS3

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 10:

AAAAAGCTTT TTTAGGATGG AGTACAGCC

29

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 11:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 29 paires de bases
  - (B) TYPE: nucléotide
  - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
  - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS4

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 11:

TTTAAGCTTA AAGAGAACCA GACAATATT

29

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 12:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
  - (A) LONGUEUR: 354 paires de bases
  - (B) TYPE: nucléotide
  - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
  - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT:1..60
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= preproteine

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT:61..60
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= preproteine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 12:

atg aac ttc acc gct ctg ctc gct gcc gtc gcc gcc ttg gtc gga 48  
 Met Asn Phe Thr Ala Leu Leu Ala Ala Val Ala Ala Leu Val Gly  
 1 5 10 15

tct gcc aac gcc acc gcg tgc acc gcc acc cag cag acc gct gcg tac 96  
 Ser Ala Asn Ala Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gln Gln Thr Ala Ala Tyr  
 20 25 30

aag aca ctc gtg agc atc ctg tcg gac gcg tcg ttc aac aag tgc tct 144  
 Lys Thr Leu Val Ser Ile Leu Ser Asp Ala Ser Phe Asn Lys Cys Ser  
 35 40 45

acg gat tcg ggc tac tcc atg ctg acg gcc aag gcc ctc ccc acc acg 192  
 Thr Asp Ser Gly Tyr Ser Met Leu Thr Ala Lys Ala Leu Pro Thr Thr  
 50 55 60

gcg cag tac aag ctc atg tgc gcg tcc acg gca tgc aac acc acc atg atc	240
Ala Gln Tyr Lys Leu Met Cys Ala Ser Thr Ala Cys Asn Thr Met Ile	
65 70 75 80	
aag aag atc gtg acg ctg aac ccg ccc aac tgc gac ctg acg gtg ccc	288
Lys Lys Ile Val Thr Leu Asn Pro Pro Asn Cys Asp Leu Thr Val Pro	
85 90 95	
acg agc ggc ctg gtg ctc aac gtg tac tgc tac gcg aac ggc ttc tcg	336
Thr Ser Gly Leu Val Leu Asn Val Tyr Ser Tyr Ala Asn Gly Phe Ser	
100 105 110	
gac aag tgc tcg tcg ctg	354
Asp Lys Cys Ser Ser Leu	
115	

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 13:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 354 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 1..294

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:

acc gcg tgc acc gcc acc cag cag acc gct gcg tac aag aca ctc gtg	48
Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gln Gln Thr Ala Ala Tyr Lys Thr Leu Val	
1 5 10 15	
agc atc ctg tcg gac gcg tcg ttc aac aag tgc tct acg gat tcg ggc	96
Ser Ile Leu Ser Asp Ala Ser Phe Asn Lys Cys Ser Thr Asp Ser Gly	
20 25 30	
tac tcc atg ctg acg gcc aag gcc ctc ccc acc acg gcg cag tac aag	144
Tyr Ser Met Leu Thr Ala Lys Ala Leu Pro Thr Thr Ala Gln Tyr Lys	
35 40 45	
ctc atg tgc gcg tcc acg gca tgc aac acc atg atc aag aag atc gtg	192
Leu Met Cys Ala Ser Thr Ala Cys Asn Thr Met Ile Lys Lys Ile Val	
50 55 60	
acg ctg aac ccg ccc aac tgc gac ctg acg gtg ccc acg agc ggc ctg	240
Thr Leu Asn Pro Pro Asn Cys Asp Leu Thr Val Pro Thr Ser Gly Leu	
65 70 75 80	
gtg ctc aac gtg tac tcg tac gcg aac ggc ttc tcg gac aag tgc tcg	288
Val Leu Asn Val Tyr Ser Tyr Ala Asn Gly Phe Ser Asp Lys Cys Ser	
85 90 95	
tcg ctg	294
Ser Leu	

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 14:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1620 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: promoteur COMTII
- (B) EMPLACEMENT: 1..1263

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS Mégaspermine
- (B) EMPLACEMENT: 1264..1630

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:

cgtccacctg tgccacaat atagagacaa tttgctcgta tagtcagaaa gagtgttta 60  
cttttagtt gcttttagt gaatctactc ggtataaagt taaatttagtg ggtcaataag 120  
tcgggtgaat agttaaagaa aacagtggtg agtttagctg tcaaataatt tcttctttt 180  
cttgtttca cattagaaaat caaaataaaaa cacaagctt ttgtatattat tttaacacaa 240  
gctaattata tgtttatatg ctggtaggt gaagtaaagc atgttatatg aggaaagtac 300  
gaagaaaatg tgccattgt cgtgtacagc aaagcagcca gcacaagcaa attcgactt 360  
gataagtggc taagtccact ttctagtgga cctagtggtt cactaacttt tacaaaaaag 420  
gcaataattt gcaattcaaa aagaaaaaag gaaaaaagaa aactagacag actttaacac 480  
accaactccc acaggaagca acaatgcaac tcacaaaagg aaaccgagtt tttccgcac 540  
ggatctagaa tttgggttca ttcttacgc ttttcgtat taaactcatt atatttgat 600  
aattatgggt ttatattttt tatttattgt aattttgtt aaattttata tataagtgtt 660  
tactccacgt ctccggatac tacattagcc tctagggttc ttaatactct tgtaaattt 720  
tccaggctcc aaacgcgt tacatttttgc tttaacggat gttccgaac aactccaaat 780  
gttcaatgtt aggtgtttt ggtgttaagc ttccgtccta ggttaataga atagataatt 840  
gttgggtttt atatagtttt gaacaatcgt cgccataaac taatttttag gatgaaagct 900  
aatttttagg atggagtaca gcctaagggtt aaaatataac tataaaaaat atccataaaaa 960  
ggtaaattt aattagtaac atgaaaagat aaaactagtg ttatcggtca aactttcaaa 1020  
agagaaaagaa ataactagac aaacttcaac aaccaacctg cccaacatgc tactgtgaa 1080  
ttgaaaaata aacaaaagag aaccagacaa tatttcaacc aatattccat caagaaaacc 1140  
aattatgaca attcttaacc aaagtccacaa ctaacactta taaaaagcac taactcaact 1200  
gtacatgatt gtgaagccta acaaaaacac tctaaaaggc ctctagagga tccccgggt 1260  
acc atg aac ttc acc gct ctg ctc gct gcc gtc qcc gcc ttg gtc 1308  
Met Asn Phe Thr Ala Leu Leu Ala Ala Val Ala Ala Leu Val  
1 5 10 15

gga tct gcc aac gcc acc gcg tgc acc gcc acc cag caa acc gct gcg 1356  
Gly Ser Ala Asn Ala Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gln Gln Thr Ala Ala  
20 25 30

tac aaa aca ctc gtg agc atc ctg tcg gac gcg tcg ttc aac aag tgc	1404
Tyr Lys Thr Leu Val Ser Ile Leu Ser Asp Ala Ser Phe Asn Lys Cys	
35	40
45	
tct acg gat tcg ggc tac tcc atg ctg acg gcc aag gcc ctc ccc acc	1452
Ser Thr Asp Ser Gly Tyr Ser Met Leu Thr Ala Lys Ala Leu Pro Thr	
50	55
60	
acg gcg cag tac aag ctc atg tgc gcg tcc acg gca tgc aac acc atg	1500
Thr Ala Gln Tyr Lys Leu Met Cys Ala Ser Thr Ala Cys Asn Thr Met	
65	70
75	
atc aaa aaa atc gtg acg ctg aac ccg ccc aac tgc aac ctg acg gtg	1548
Ile Lys Lys Ile Val Thr Leu Asn Pro Pro Asn Cys Asn Leu Thr Val	
80	85
90	95
ccc acg agc ggc ctg gtg ctc aac gtg tac tcg tac cca aac ggc ttc	1596
Pro Thr Ser Gly Leu Val Leu Asn Val Tyr Ser Tyr Pro Asn Gly Phe	
100	105
110	
tcg gac aag tgc tcg tcg ctg taa	1620
Ser Asp Lys Cys Ser Ser Leu	
115	

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 15:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
 (A) LONGUEUR: 33 paires de bases  
 (B) TYPE: nucléotide  
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PAS2

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 15:

CGCGGATCCC CTTTTAGAGT GTTTTGTTA GGC

33

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 16:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
 (A) LONGUEUR: 33 paires de bases  
 (B) TYPE: nucléotide  
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS5

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 16:

ACGCGTCGAC GTTAGGGACA ATCTATAGTG TCAC

33

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 17:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
 (A) LONGUEUR: 34 paires de bases  
 (B) TYPE: nucléotide  
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple  
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS6

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 17:

ACGCGTCGAC GCTCCGAGGA TTTGGCTGTC GCGG

34

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 18:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
(A) LONGUEUR: 34 paires de bases  
(B) TYPE: nucléotide  
(C) NOMBRE DE BRINS: simple  
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS7

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 18:

ACCGCGTCGAC GCTGGTTAGG TGAAGTAAAG CATG

34

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 19:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
(A) LONGUEUR: 33 paires de bases  
(B) TYPE: nucléotide  
(C) NOMBRE DE BRINS: simple  
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS8

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 19:

ACCGCGTCGAC GCATGTTATA TGAGGAAAGT ACG

33

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 20:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
(A) LONGUEUR: 33 paires de bases  
(B) TYPE: nucléotide  
(C) NOMBRE DE BRINS: simple  
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS9

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 20:

ACCGCGTCGAC GCAGCCAGCA CAAGCAAATT CGC

33

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 21:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
(A) LONGUEUR: 31 paires de bases  
(B) TYPE: nucléotide  
(C) NOMBRE DE BRINS: simple  
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS10

## (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 21:

ACCGCGTCGAC GACTTTAACCA CACCAACTCC C

31

## (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 22:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:  
(A) LONGUEUR: 34 paires de bases  
(B) TYPE: nucléotide  
(C) NOMBRE DE BRINS: simple  
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS11

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 22:

ACGCGTCGAC CGGATCTAGA ATTTGGGTTTC ATTC

34

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 23:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 35 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS12

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 23:

ACGCGTCGAC GTGTATACTC CACGTCTCCG GATAC

35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 24:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 32 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS13

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 24:

ACGCGTCGAC GTTCAATGTT AGGTGTGTTT GG

32

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 25:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 36 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PAS3

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 25:

CGCGGATCCG CTTAACACCCA AACACACACCTA ACATTG

36

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 26:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS14

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 26:

ACGCGTCGAC CAGTGGTGAG TTTAGCTGTC

30